

Selecting oligo-nucleotide probe for identifying allele of polymorphic gene - by choosing the min. number of probes necessary for unequivocal discrimination from mutant forms of consensus sequence

Patent Assignee: BERTIN & CIE

Inventors: BOUGUELERET L; COHEN D; COHEN N; DAUSSET J

Patent Family (5 patents, 22 countries)

Patent Number	Kind	Date	Application Number	Kind	Date	Update	Type
WO 1993011262	A1	19930610	WO 1992FR1141	A	19921203	199324	B
EP 549388	A1	19930630	EP 1992403267	A	19921203	199326	E
FR 2684688	A1	19930611	FR 199114996	A	19911204	199336	E
AU 199333550	A	19930628	AU 199333550	A	19921203	199342	E
JP 7501449	W	19950216	WO 1992FR1141	A	19921203	199516	E
			JP 1993509904	A	19921203		

Priority Application Number (Number Kind Date): FR 199114996 A 19911204

Patent Details

Patent Number	Kind	Language	Pages	Drawings	Filing Notes
WO 1993011262	A1	EN	43	0	
National Designated States,Original	AU CA JP KR US				
Regional Designated States,Original	AT BE CH DE DK ES FR GB GR IE IT LU MC NL PT SE				
EP 549388	A1	FR	26	10	
Regional Designated States,Original	AT BE CH DE DK ES FR GB GR IT LI LU NL SE				
FR 2684688	A1	FR	39	10	
AU 199333550	A	EN			Based on OPI patent WO 1993011262
JP 7501449	W	JA			PCT Application WO 1992FR1141 Based on OPI patent WO 1993011262

Alerting Abstract: WO A1

Process for selecting, from a set of allelic sequences of a polymorphic gene (PG), at least one mutation screen able to specify at least one oligonucleotide probe for distinguishing between all alleles, comprises: (1) selecting all or part of a known consensus sequence (CS) of PG; (2) producing a matrix of mutations with sequences corresponding to known alleles; (3) identifying indiscernible sequences by pairwise comparison (i.e. alleles having the same mutation profile in CS) and excluding one member of each pair; (4) identifying and numbering obligatory mutations and 'marker' mutations (i.e. those which are necessary and sufficient to distinguish 2 otherwise identical alleles; set O of obligatory mutations), and (5) producing at least one minimal mutation screen comprising at least these obligatory mutations.

To identify alleles, the screen selected in step (5) which is most suitable for prodn. of probes to differentiate between the alleles is chosen and these probes used for hybridisation typing of the alleles.

USE/ADVANTAGE - This method provides rapid and reliable identification of alleles without requiring a large no. of probes. It can identify homozygotic doublets and differentiate them from heterozygotic doublets.

International Classification (Main): C12Q-001/68 **(Additional/Secondary):** C07H-021/00, C12N-015/11, G06F-015/20

Original Publication Data by Authority**Australia**

Publication Number: AU 199333550 A (Update 199342 E)

Publication Date: 19930628

Assignee: BERTIN & CIE (BERU)

Inventor: COHEN N BOUGUELERET L COHEN D DAUSSET J

Language: EN

Application: AU 199333550 A 19921203 (Local application)

Priority: FR 199114996 A 19911204

Related Publication: WO 1993011262 A (Based on OPI patent)

Original IPC: C12Q-1/68(A)

Current IPC: C12Q-1/68(A)

European Patent Office

Publication Number: EP 549388 A1 (Update 199326 E)

Publication Date: 19930630

**Auswahlverfahren von mindestens einem Mutationssieb, seine Anwendung auf ein schnelles Identifizierungsverfahren von Allelen von polymorphen Systemen und Apparat zu seiner Durchfuehrung
Method for the selection of at least one mutations' screen, its application to a rapid identification of polymorphic systems' alleles and apparatus for carrying it out
Procede de selection d'au moins un crible de mutations, son application a un procede d'identification rapide d'alleles de systemes polymorphes et dispositif pour sa mise en oeuvre**

Assignee: BERTIN CIE, Zone Industrielle Boite postale 3, F-78373 Plaisir Cedex, FR (BERU)

Inventor: Cohen, Nadine, 64 rue de Meaux, F-75019 Paris, FR Bougueret, Lydie, 10 rue Franquet, F-75015 Paris, FR Cohen, Daniel, 5 rue Jeanne d'arc, F-94160 saint Mande, FR Dausset, Jean, 7 rue Villersexel, F-75007 Paris, FR

Agent: Ores, Bernard et al, Cabinet ORES 6, Avenue de Messine, F-75008 Paris, FR

Language: FR (26 pages, 10 drawings)

Application: EP 1992403267 A 19921203 (Local application)

Priority: FR 199114996 A 19911204

Designated States: (Regional Original) AT BE CH DE DK ES FR GB GR IT LI LU NL SE

Original IPC: C12Q-1/68(A)

Current IPC: C12Q-1/68(A)

Original Abstract: Methods for the selection of at least one mutation screen from a set of allelic sequences of a polymorphic gene and for the rapid identification of alleles of polymorphic genes, nucleotide probes obtained from the said mutation screens, especially consisting of a data bank and device for implementing the said methods. The method for the identification of alleles comprises: (a) the selection of all or part of a known consensus sequence of the said polymorphic gene; (b) the creation of a template for the mutations of the corresponding sequences of known alleles; (c) the identification of the indiscernible sequences by comparison in pairs (alleles having the same mutation profile in the sequence selected in (a)) and the exclusion of one of the members of the said pairs; (e) the identification and the enumeration of the obligatory mutations or the so-called allele marker mutations, that is to say those which are required or sufficient for distinguishing two alleles which are otherwise identical (set O of obligatory mutations); and (f) the production of the said minimum mutation screen(s) comprising at least the obligatory mutations of step (e); and then (g) the selection, among the screens selected in step (f) of the said method for the selection of mutation screens, of the mutation screen which is most suitable for the preparation of oligonucleotide probes suitable for use in the differentiation of all the alleles; (h) an appropriate hybridisation of an allele X to be identified with the oligonucleotide probes selected from the mutation screen(s) established in steps (a) to (g); and (i) identification of the allele X by detecting the said hybrid(s) optionally formed in step (h).

Claim: 1. Procéde pour la selection a partir d'un ensemble de sequences alleliques d'un gene polymorphe, d'au moins un crible de mutations destine a specifier au moins une sonde nucleotidique apte a etre utilisee pour la discrimination de tous les alleles, caracterise en ce qu'il comprend les etapes suivantes: * (a) la selection de tout ou partie d'une sequence consensus connue dudit gene polymorphe; (b) la creation d'une matrice des mutations de s sequences correspondantes d'alleles connus; (c) l'identification de s sequences indiscernables par comparaison deux a deux (alleles ayant le meme profil de mutations dans la sequence selectionnee en (a)) et l'exclusion d'un des membres desdits couples; (e) l'identification et le denombrement des mutations obligatoires ou mutations dites marqueurs d'alleles, c'est-a-dire celles qui sont necessaires et suffisantes pour la distinction de deux alleles par ailleurs identiques (ensemble O des mutations obligatoires); et (f) l'obtention dudit/desdits cibles minimaux de mutations, comprenant au moins les mutations obligatoires de l'etape (e).

France

Publication Number: FR 2684688 A1 (Update 199336 E)

Publication Date: 19930611

Assignee: BERTIN & CIE (BERU)

Inventor: COHEN N BOUGUELERET L COHEN D DAUSSET J

Language: FR (39 pages, 10 drawings)

Application: FR 199114996 A 19911204 (Local application)

Original IPC: C12Q-1/68(A) C07H-21/00(B) G06F-15/20(B)

Current IPC: C12Q-1/68(A) C07H-21/00(B) G06F-15/20(B)

Japan

Publication Number: JP 7501449 W (Update 199516 E)

Publication Date: 19950216

Assignee: BERTIN & CIE (BERU)

Language: JA

Application: WO 1992FR1141 A 19921203 (PCT Application) JP 1993509904 A 19921203 (Local application)

Priority: FR 199114996 A 19911204

Related Publication: WO 1993011262 A (Based on OPI patent)

Original IPC: C12Q-1/68(A) C12N-15/11(B)

Current IPC: C12Q-1/68(A) C12N-15/11(B)

WIPO

Publication Number: WO 1993011262 A1 (Update 199324 B)

Publication Date: 19930610

****METHOD OF SELECTING AT LEAST ONE MUTATION SCREEN, ITS APPLICATION TO A METHOD FOR RAPID IDENTIFICATION OF ALLELES OF POLYMORPHOUS SYSTEMS AND DEVICE FOR IMPLEMENTATION THEREOF****

Assignee: BERTIN CIE, FR (BERU)

Inventor: COHEN, NADINE, FR BOUGUELERET, LYDIE, FR COHEN, DANIEL, FR DAUSSET, JEAN, FR

Language: EN (43 pages, 0 drawings)

Application: WO 1992FR1141 A 19921203 (Local application)

Priority: FR 199114996 A 19911204

Designated States: (National Original) AU CA JP KR US (Regional Original) AT BE CH DE DK ES FR GB GR IE IT LU MC NL PT SE

Original IPC: C12Q-1/68(A)

Current IPC: C12Q-1/68(A)

Original Abstract: Methods of selecting at least one mutation screen from a series of allele sequences of a polymorphous gene and for rapid identification of alleles of polymorphous genes, nucleotide probes obtained from the said mutation screens, placed specifically in data bank form, and a device for implementing the said method are disclosed. The method for identifying alleles consists of: (a) selecting all or part of a known (consensus) sequence of the said polymorphous gene; (b) creating a mutation matrix for the corresponding sequences of known alleles; (c) identifying indiscernable sequences by comparison in twos (alleles having the same mutation profile in the sequence selected in (a)) and excluding one of the members of the said pairs; (d) identifying and counting the obligatory mutations or allele marker mutations, i.e.those which are necessary and adequate for distinguishing between two alleles which are otherwise identical (set O of obligatory mutations); and (f) obtaining the said minimum mutation screen(s), comprising at least the obligatory mutations of step (e); then (g) selecting from the screen selected in step (f) of the said mutation screen selection process the most suitable mutation screen for preparing oligonucleotide probes suitable for use in differentiating all the alleles; (h) appropriately hybridizing an allele X to be identified with the oligonucleotide probes selected from the mutation screen(s) obtained in steps (a) to (g); and (i) identifying the allele X by detection of the said hybrid(s) which may have been formed in step (h).

Derwent World Patents Index

© 2007 Derwent Information Ltd. All rights reserved.

Dialog® File Number 351 Accession Number 6396590

(19) RÉPUBLIQUE FRANÇAISE
INSTITUT NATIONAL
DE LA PROPRIÉTÉ INDUSTRIELLE
PARIS

(11) N° de publication : 2 684 688
(à n'utiliser que pour les commandes de reproduction)
(21) N° d'enregistrement national : 91 14996
(51) Int Cl⁵ : C 12 Q 1/68, G 06 F 15/20, C 07 H 21/00

(12)

DEMANDE DE BREVET D'INVENTION

A1

(22) Date de dépôt : 04.12.91.

(71) Demandeur(s) : BERTIN & CIE, société anonyme — FR.

(30) Priorité :

(43) Date de la mise à disposition du public de la demande : 11.06.93 Bulletin 93/23.

(72) Inventeur(s) : Cohen Nadine, Bougueret Lydie, Cohen Daniel et Dausset Jean.

(56) Liste des documents cités dans le rapport de recherche : Se reporter à la fin du présent fascicule.

(73) Titulaire(s) :

(60) Références à d'autres documents nationaux apparentés :

(74) Mandataire : Cabinet Ores.

(54) Procédé de sélection d'au moins un crible de mutations, son application à un procédé d'identification rapide d'allèles de systèmes polymorphes et dispositif pour sa mise en œuvre.

avec les sondes oligonucléotidiques sélectionnées à partir du/des cribles de mutations établis au cours des étapes (a) à (g); et (i) identification de l'allèle X par détection du/desdits hybrides, éventuellement formés au cours de l'étape (h).

(57) Procédés de sélection d'au moins un crible de mutations à partir d'un ensemble de séquences alléliques d'un gène polymorphe et d'identification rapide d'allèles de gènes polymorphes, sondes nucléotidiques obtenues à partir desdits cribles de mutations, notamment constitués en banque de données et dispositif pour la mise en œuvre desdits procédés. Le procédé pour l'identification d'allèles comprend: (a) la sélection de tout ou partie d'une séquence consensus connue dudit gène polymorphe; (b) la création d'une matrice des mutations des séquences correspondantes d'allèles connus; (c) l'identification des séquences indiscernables par comparaison deux à deux (allèles ayant le même profil de mutations dans la séquence sélectionnée en (a)) et l'exclusion d'un des membres desdits couples; (e) l'identification et le dénombrement des mutations obligatoires ou mutations dites marqueurs d'allèles, c'est-à-dire celles qui sont nécessaires et suffisantes pour la distinction de deux allèles par ailleurs identiques (ensemble O des mutations obligatoires); et (f) l'obtention dudit/desdits cribles minimaux de mutations, comprenant au moins les mutations obligatoires de l'étape (e); puis (g) le choix, parmi les cribles sélectionnés à l'étape (f) dudit procédé de sélection de cribles de mutations, du crible de mutations le plus adapté à la réalisation de sondes oligonucléotidiques aptes à être utilisées pour la différenciation de tous les allèles; (h) une hybridation appropriée d'un allèle X à identifier

FR 2 684 688 - A1



La présente invention est relative à un procédé de sélection d'au moins un cible de mutations à partir d'un ensemble de séquences alléliques d'un gène polymorphe, à un procédé d'identification rapide de 5 variations alléliques (allèles ou séquences alléliques) des séquences de gènes polymorphes, à des sondes nucléotidiq[ue]ues obtenues à partir desdits cibles de mutations, notamment constitués en banque de données ainsi qu'à un dispositif pour la mise en oeuvre desdits procédés.

10 La présente invention est également relative à un kit pour l'identification des allèles de gènes polymorphes.

A l'heure actuelle, il est très difficile et très fastidieux d'identifier les différents allèles d'un 15 même gène, se distinguant par mutation d'au moins une base dans leur séquence nucléotidique, notamment dans le cas de systèmes naturellement polyalléliques, tel que le système majeur d'histocompatibilité (HLA) dont les gènes peuvent se présenter sous de très nombreuses formes alléliques, ainsi que dans toute autre forme de polymorphisme, notamment ceux dûs à des mutations somatiques comme celles des immunoglobulines et des récepteurs des cellules T ou encore ceux rencontrés dans des systèmes équivalents à un système polyallélique, plus particulièr[em]ent observés dans certaines maladies génétiques à 20 mutations multiples telles que la mucoviscidose ou la dystrophie musculaire de Duchenne.

Les gènes du complexe majeur d'histocompatibilité (complexe HLA), par exemple, sont étroitement liés 30 sur le bras court du chromosome 6 et s'étendent sur environ 5 000 kB ; ils codent pour trois types de protéines, les protéines de classe I, II et III ; une caractéristique majeure du système HLA est son vaste polymorphisme. Le polymorphisme de ce système résulte du nombre de gènes 35 et du nombre des différents allèles possibles pour chacun de ces gènes, le polymorphisme étant encore accru si l'on tient compte du fait qu'un individu peut avoir reçu le

même allèle de ses deux parents (état homozygote) ou peut avoir reçu deux allèles différents (état hétérozygote).

De plus, si l'on considère que pour le complexe HLA, il peut exister de 10 à 100 allèles par gène 5 et qu'on a actuellement caractérisé 15-20 gènes codant pour les protéines du complexe HLA, il est quasiment impossible d'effectuer un typage (ou identification) complet de ce complexe avec les méthodes actuellement disponibles, alors que ce dernier peut se révéler crucial, 10 notamment en transplantation.

En effet, le typage des différents systèmes polymorphes peut être réalisé, actuellement, soit par des méthodes immunochimiques, soit par des techniques d'hybridation ADN/ADN ; toutefois ces techniques ont 15 l'inconvénient :

. de ne pas être assez discriminatives, et donc de ne pas permettre la différenciation d'allèles de structures très proches et

. de nécessiter l'utilisation d'un nombre 20 élevé de sondes oligonucléotidiques (par exemple : 50-60 sondes environ dans le cas du gène DR β du système HLA (voir notamment la nomenclature des facteurs du système HLA, publiée en 1990 dans Immunogenetics, 31, 131-140), qui comporte 56 allèles), et ce, dans la mesure où dans 25 les procédés de typage classique par biologie moléculaire de l'art antérieur, il est effectivement nécessaire de prévoir de l'ordre d'une sonde par allèle pour pouvoir interpréter les résultats.

Or, cette identification est souvent nécessaire 30 soit pour des raisons préventives, soit pour des raisons curatives (thérapie, chirurgie, greffes notamment) ; plus particulièrement, dans le cas du complexe HLA, la maîtrise d'un système de typage fiable, est rendue nécessaire dans un but préventif par l'existence 35 d'une corrélation entre la susceptibilité à certaines maladies et la fréquence de certains allèles HLA ; et dans un but curatif par la nécessité d'avoir une compatibilité HLA entre donneur et receveur, en cas de greffe, comme

spécifié ci-dessus et dans un but d'identification des individus (criminologie et recherche de paternité notamment).

En conséquence, la Demandante s'est donné 5 pour but de pourvoir à un procédé d'identification rapide et fiable d'allèles, qui a l'avantage de permettre l'identification de la carte allélique complète d'un sujet, et ce sans nécessiter l'utilisation d'un nombre élevé de sondes oligonucléotidiques (difficulté de réalisation et coût élevé desdites sondes). 10

La présente invention a pour objet un procédé de sélection d'au moins un crible de mutations, à partir d'un ensemble de séquences alléliques d'un gène polymorphe, caractérisé en ce qu'il comprend les étapes suivantes :

(a) la sélection de tout ou partie d'une séquence *consensus* connue dudit gène polymorphe ;

(b) la création d'une matrice des mutations des séquences correspondantes d'allèles connus ;

20 (c) l'identification des séquences indiscernables par comparaison deux à deux (allèles ayant le même profil de mutations dans la séquence sélectionnée en (a)) et l'exclusion d'un des membres desdits couples ;

25 (e) l'identification et le dénombrement des mutations obligatoires ou mutations dites marqueurs d'allèles, c'est-à-dire celles qui sont nécessaires et suffisantes pour la distinction de deux allèles par ailleurs identiques (ensemble O des mutations obligatoires) ; et

30 (f) l'obtention dudit/desdits cibles minimaux de mutations, comprenant au moins les mutations obligatoires de l'étape (e).

Selon un mode de mise en œuvre avantageux dudit procédé, préalablement à l'étape (e) 35 d'identification et de dénombrement des mutations obligatoires, ledit procédé comprend :

(d) l'identification des mutations similaires dans chacune desdites séquences d'allèles de l'étape (b),

de manière à ne traiter dans les étapes suivantes que les mutations non redondantes et constituant l'ensemble U des mutations utiles ; laquelle étape (d) est suivie des étapes (e) et (f) modifiées comme suit :

5 (e) l'identification et le dénombrement des mutations obligatoires ou mutations dites marqueurs d'allèles, parmi les mutations utiles de l'ensemble U, c'est-à-dire celles qui sont nécessaires et suffisantes pour la distinction de deux allèles par ailleurs identiques (ensemble O' des mutations obligatoires) ; et

10 15 (f) si les mutations obligatoires de l'étape (e) ne permettent pas l'obtention directe de cibles de mutations aptes à la différenciation univoque de tous les allèles, on procède à la sélection d'un nombre minimal de mutations utiles de l'étape (d) (sous-ensemble U₁ issu de l'ensemble U des mutations utiles) qui, associées aux mutations obligatoires de l'étape (e), forment le/les cibles de mutations aptes à la différenciation univoque de tous les allèles.

20 25 Selon une disposition avantageuse de ce mode de mise en oeuvre, préalablement à l'étape (f), ledit procédé comprend une étape (x) de sélection de mutations utiles de l'étape (d) (sous-ensemble U₂ issu de l'ensemble U des mutations utiles), pour former un groupe des mutations utiles les plus adaptées à la réalisation de sondes oligonucléotidiques aptes à être utilisées pour la différenciation de tous les allèles ; laquelle étape (x) est suivie de l'étape (f) modifiée comme suit :

30 35 (f) si les mutations obligatoires ne permettent pas la sélection directe de cibles de mutations aptes à la différenciation univoque de tous les allèles, on procède à la sélection d'un nombre minimal de mutations utiles de l'étape (x) qui, associées aux mutations obligatoires de l'étape (e), forment le/les cibles de mutations aptes à la différenciation univoque de tous les allèles.

De tels cibles de mutations sont particulièrement intéressants pour la réalisation d'un nombre res-

treint de sondes oligonucléotidiques, aptes à être utilisées pour la différenciation de tous les allèles d'un gène polymorphe.

La présente invention a également pour objet
5 un procédé pour l'identification d'allèles (ou séquences alléliques) d'un gène polymorphe, caractérisé en ce qu'il comprend les étapes suivantes :

I - la sélection d'au moins un crible de mutations réalisé à partir d'un ensemble de séquences alléliques d'un gène polymorphe au cours des étapes :

. (a) à (f) du procédé de sélection d'au moins un crible de mutations tel que défini ci-dessus (y compris les différentes variantes) ; puis

. (g) le choix, parmi les cribles sélectionnés 15 à l'étape (f) dudit procédé de sélection de cribles de mutations, du crible de mutations le plus adapté à la réalisation de sondes oligonucléotidiques aptes à être utilisées pour la différenciation de tous les allèles ;

II - typage proprement dit d'un allèle X à 20 identifier par :

(h) une hybridation appropriée dudit allèle X avec les sondes oligonucléotidiques sélectionnées à partir du/des cribles de mutations établis au cours des étapes (a) à (g) ; et

25 (i) identification de l'allèle X par détection dudit/desdits hybrides, éventuellement formés au cours de l'étape (h).

De manière avantageuse, lorsque le procédé de sélection de cribles de mutations, comprend l'étape (d) 30 telle que définie ci-dessus, ladite étape (d) a l'avantage d'entraîner une première réduction des mutations à considérer dans la suite des étapes, en éliminant un premier sous-ensemble de mutations (mutations redondantes) et donc de constituer un ensemble U des mutations 35 utiles pour la caractérisation d'un allèle.

Les étapes (e) à (g) ont l'avantage :

- . de permettre la sélection d'un sous-ensemble de mutations obligatoires, parmi les mutations utiles de l'ensemble U qui, éventuellement en association avec :
- soit un sous-ensemble U_1 , issu de l'ensemble U des mutations utiles (l'ensemble U_1 correspondant à un nombre minimal de mutations utiles qui, en association avec les mutations obligatoires, forment des cibles de mutations aptes à la différenciation univoque de tous les allèles) ou
 - 5 - soit un sous-ensemble U_2 , issu de l'ensemble U des mutations utiles et sélectionné pour former un groupe de mutations utiles plus adaptées à la réalisation de sondes oligonucléotidiques convenables, forment des cibles de mutations aptes à la différenciation univoque de tous les allèles ; et
 - 10 - de permettre, en raison de la sélection des sondes oligonucléotidiques spécifiques, une identification rapide de l'allèle inconnu.
- En effet, le procédé conforme à l'invention permet outre la sélection d'un nombre restreint de sondes oligonucléotidiques, la sélection de sondes ayant les caractéristiques avantageuses suivantes :
- appariement maximal avec la séquence *consensus* ;
 - 25 - absence de formation de séquences donnant lieu à la formation d'homo- ou d'hétérodimères non spécifiques ;
 - contenu important en bases GC ; et
 - absence de séquences répétées polypurines ou
- 30 polypyrimidines.

De plus, le procédé conforme à l'invention permet l'identification directe des doublets homozygotes et leur différenciation des doublets hétérozygotes.

Dans ce dernier cas, pour établir, *in fine*, le 35 crible de mutations, on met en oeuvre le même procédé que décrit ci-dessus par l'analyse de chaque séquence du doublet à chaque position ; ce sont donc des doublets

d'allèles qui sont comparés à tous les autres doublets d'allèles.

Les implications préventives et curatives de la connaissance précise des allèles portés par un sujet 5 donné sont importantes ; le procédé conforme à l'invention permet, dans un temps très court, de résoudre ce problème.

La présente invention a également pour objet une banque de données pour l'identification d'allèles de 10 gènes polymorphes, caractérisée en ce qu'elle est constituée par l'ensemble des cibles de mutations obtenus par le procédé ci-dessus.

La présente invention a également pour objet des sondes oligonucléotidiques, caractérisées en ce 15 qu'elles sont construites pour la mise en oeuvre d'au moins un cible de mutations issu du procédé de sélection d'au moins un cible de mutations à partir d'un ensemble de séquences alléliques d'un gène polymorphe ou de la banque de données telle que définie ci-dessus, en ce 20 qu'elles comprennent entre 15 et 50 bases et en ce qu'elles sont les plus aptes à s'hybrider à une séquence allélique pour l'identification d'allèles d'un gène polymorphe.

De telles sondes peuvent éventuellement être 25 marquées à l'aide d'un marqueur tel qu'un isotope radioactif, une enzyme appropriée, un fluorochrome, un anticorps ou un analogue de base ; de telles sondes peuvent également être construites pour être mises en oeuvre dans le procédé de détection et/ou d'identification d'une base 30 nucléotidique spécifique présente sur une séquence d'acide nucléique (mutation) décrit dans la Demande de Brevet européen 412 883, au nom de la Demanderesse.

Selon un mode de réalisation avantageux desdites sondes, elles comprennent une séquence issue de la 35 séquence consensus sélectionnée et dont la base nucléotidique située à l'extrémité 3' correspond à une base en amont d'une des bases mutantes du cible de mutations sélectionné.

La présente invention a également pour objet un kit pour l'identification d'allèles d'un gène polymorphe, caractérisé en ce qu'il comprend au moins :

- des quantités appropriées d'une collection 5 de sondes oligonucléotidiques conformes à l'invention ; éventuellement associées à :
 - des quantités appropriées d'un réactif de détection des hybrides sonde-séquence à identifier éventuellement formés ; et/ou à
- 10 - un tableau d'interprétation du résultat des hybridations obtenues, en fonction du cible de mutations sélectionnée.

Selon un mode de réalisation avantageux dudit kit, lesdites sondes comprennent une séquence issue de la 15 séquence *consensus* sélectionnée et dont la base nucléotidique située à l'extrémité 3' correspond à une base en amont d'une des bases mutantes du cible de mutations sélectionnée.

Selon un autre mode de réalisation avantageux 20 dudit kit, il comprend en outre :

- des quantités appropriées de quatre bases nucléotidiques modifiées, de manière à être incorporables dans le produit d'extension desdites sondes utilisées comme amorces, tout en bloquant l'elongation dudit produit d'extension.

Un tel mode de réalisation permet la mise en oeuvre du procédé décrit dans la Demande de brevet européen 412 883 au nom de la Demanderesse.

La présente invention a, en outre, pour objet 30 un dispositif pour la mise en oeuvre du procédé conforme à l'invention, caractérisé en ce qu'il comprend au moins :

- des moyens d'entrée de données,
 - des moyens de calcul programmés pour générer 35 le/les cibles de mutations,
 - des moyens de mémorisation desdits cibles,
- et

- des moyens aptes à permettre l'identification des allèles à partir des cibles mémorisés.

Outre les dispositions qui précèdent,
 5 l'invention comprend encore d'autres dispositions, qui ressortiront de la description qui va suivre, qui se réfère à des exemples de mise en oeuvre du procédé objet de la présente invention ainsi qu'au dessin annexé, dans lequel :

10 - la figure 1 illustre un mode de réalisation du procédé de sélection d'un crible de mutations dans lequel ledit crible est directement obtenu à partir de l'ensemble O de mutations obligatoires ;

15 - la figure 2 illustre un autre mode de réalisation dans lequel ledit crible est obtenu à partir d'un ensemble O' de mutations obligatoires issu d'un ensemble U de mutations utiles, lequel ensemble O' est éventuellement associé à un sous-ensemble U₁ ou à un sous-ensemble U₂ de mutations utiles, tels que définis ci-dessus ;

20 - la figure 3 illustre un dispositif de mise en oeuvre des procédés conformes à l'invention (phase de création et phase d'exploitation) ;

- la figure 4 illustre une matrice de mutations d'une séquence à 7 allèles, dénommée All ;

25 - la figure 5 illustre l'ensemble U (mutations utiles) en vue d'identifier un couple d'allèles homozygotes de la séquence All ;

- la figure 6 illustre les cibles de mutations aptes à l'identification univoque de tous les 30 couples d'allèles homozygotes de All ;

- la figure 7 illustre l'ensemble U (mutations utiles) en vue d'identifier un couple d'allèles hétérozygotes du gène All ;

35 - la figure 8 illustre le crible de mutations apte à l'identification univoque de tous les doublets d'allèles hétérozygotes de All ;

- la figure 9 illustre l'ensemble U (mutations utiles) en vue d'identifier un couple d'allèles homozygotes du gène DQ β 1 ; et

5 - la figure 10 illustre l'ensemble des cibles de mutations aptes à l'identification de tous les couples d'allèles homozygotes du gène DQ β 1.

Il doit être bien entendu, toutefois, que ces exemples sont donnés uniquement à titre d'illustration de l'objet de l'invention, dont ils ne constituent en aucune 10 manière une limitation.

Un dispositif conforme à l'invention permet la mise en oeuvre des procédés de sélection et d'identification tels que définis ci-dessus aussi bien en phase de création (constitution des cibles) qu'en phase 15 d'exploitation (identification d'un allèle).

En phase de création, la matrice des mutations d'allèles est introduite en (1) dans un microprocesseur (A) approprié et génèrent en (4) au moyen du procédé de sélection d'au moins un crible de mutations conforme à 20 l'invention, un ensemble de cibles, mémorisés en (3, 3') dans une banque de données .

En phase d'exploitation, une séquence à identifier est hybridée avec une collection de sondes convenables, construites pour la mise en oeuvre d'au moins un 25 crible de mutations ; à partir des hybrides obtenus, on identifie la séquence (données expérimentales introduites en (2)) ; on compare le résultat obtenu avec le crible en (5), ce qui permet de préciser de quel allèle il s'agit.

EXAMPLE 1 : Constitution de cibles de mutations des allèles homozygotes du gène All.

on sélectionne la séquence All*0501 comme séquence consensus comme visible sur la figure 4, dans laquelle la première séquence est considérée comme la séquence consensus ; dans les autres séquences seules sont 35 indiquées les mutations par rapport à ladite séquence consensus ;

. on compare les allèles deux à deux et on identifie les mutations utiles pour différencier chaque

couple d'allèles : les mutations utiles trouvées avec le procédé conforme à l'invention sont au nombre de 9 :
 5, 8, 14, 19, 20, 21, 36, 48, 49
 conformément à la figure 5.

- 5 Dans cet exemple, un couple d'allèles est indiscernable (couple All*0201 et All*0202) ; l'allèle All*0202 est en conséquence supprimé pour le reste de l'analyse.

. on procède ensuite à la recherche des mutations obligatoires :

- 10 All*0401 et All*0501 ne diffèrent que par 36.

Il ressort de cette recherche qu'il n'existe qu'une seule position obligatoire parmi les mutations utiles, il s'agit de la position 36.

- . dans le cas présent, la seule mutation
 15 obligatoire ne permet pas de discriminer tous les couples d'allèles possibles ; il n'existe pas de "solutions", i.e. de cibles permettant l'identification univoque de tous les allèles considérés, avec un nombre de mutations inférieur à 3 (soit 2 mutations supplémentaires). Tous
 20 les cibles de mutations possibles à 3 mutations sont :

- 1) 36, 5, 20
- 2) 36, 8, 20
- 3) 36, 14, 20,

conformément aux figures 6.1 à 6.3 et montrent qu'il est
 25 possible d'identifier un allèle du gène All à l'aide de l'un quelconque de ces cibles de mutations.

EXEMPLE 2 : Constitution de cibles de mutations des allèles hétérozygotes du gène All.

Dans cet exemple, après l'exécution des étapes
 30 telles que décrites à l'exemple 1, et qui aboutissent à l'identification des mutations utiles comme visible à la figure 7, on procède à la recherche des mutations obligatoires qui permettent la discrimination de tous les doubllets d'allèles :

- 35 All*0401, All*0401 et All*0501, All*0401 ne diffèrent que par 36 ;

All*0401, All*0401 et All*0501, All*0501 ne diffèrent que par 36 ;

All*0302, All*0401 et All*0501, All*0302 ne diffèrent que par 36 ;
 All*0301, All*0401 et All*0501, All*0301 ne diffèrent que par 36 ;
 5 All*0201, All*0401 et All*0501, All*0201 ne diffèrent que par 36 ;
 All*0502, All*0401 et All*0501, All*0502 ne diffèrent que par 36 ;
 All*0501, All*0401 et All*0501, All*0501 ne diffèrent que
 10 par 36.

Il ressort de cette recherche qu'il n'existe une seule position obligatoire parmi les mutations utiles ; il s'agit de la position 36.

Dans cet exemple, cette seule mutation obligatoire ne
 15 permet pas de discriminer tous les doublets d'allèles. Il n'existe pas de "solutions" avec un nombre inférieur à 3, soit 2 positions supplémentaires. Un des cibles de mutations qui permet la discrimination de tous les doublets d'allèles est : 36, 5, 20, conformément à la figure
 20 8.

EXEMPLE 3 : Typage d'un individu hétérozygote All.

Le crible de mutations de l'exemple 2 est choisi pour identifier des allèles, car il est le plus adapté à la réalisation de sondes qui répondent aux critères de sélection définis ci-dessus (appariement maximal avec la séquence *consensus*, absence de séquences donnant lieu à la formation d'homo- ou d'hétérodimères, contenu important en bases GC et absence de séquences répétées polypurines ou polypyrimidine).
 25

Des sondes de 20 oligonucléotides sont synthétisées de manière à ce que la position 3' desdites sondes correspondent à une base située juste en amont d'une des positions des cibles ci-dessus, de manière à ce que lorsque l'on procède à l'hybridation et à l'extension
 30 dans les conditions de la Demande de Brevet européen précitée, on puisse vérifier laquelle/lesquelles des bases s'apparie(nt). L'utilisation d'un tel panel de sondes permet d'identifier

. chez l'individu 1, la séquence CC CT CC qui, en référence au crible choisi permet d'identifier le couple d'allèles All*0201, All*0302, et

5 . chez l'individu 2 testé, la séquence CC CT CG qui, en référence au crible choisi permet d'identifier le couple d'allèles All*0502, All*0201.

EXEMPLE 4 : Constitution de cibles de mutations des allèles homozygotes du gène HLA-DQ β 1

10 La nomenclature des facteurs du système HLA a été publiée en 1990 dans Immunogenetics, 31, 131-140 et l'exemple qui suit illustre la constitution d'un crible de mutations des allèles du gène HLA-DQ β 1, tels que définis dans cet article.

15 . on sélectionne la séquence DQ β 1*0501 (position 1 à position 300) comme séquence *consensus* ;

. on identifie les positions des mutations similaires, afin de ne les considérer qu'une fois ; on obtient le résultat suivant :

- * la mutation 25 est similaire à la 7 ;
 - 20 * la mutation 140 est similaire à la 110 ;
 - * la mutation 186 est similaire à la 167 ;
 - * la mutation 266 est similaire à la 250 ;
 - * la mutation 269 est similaire à la 259 ;
 - * la mutation 280 est similaire à la 277 ;
- 25 en conséquence, les mutations 25, 140, 186, 266, 269 et 280 sont ignorées dans l'étape suivante du procédé (les numéros correspondent aux positions des mutations sur la séquence).

30 . on compare les allèles deux à deux et on identifie les mutations utiles pour différencier chaque couple d'allèles : les mutations utiles trouvées avec le procédé conforme à l'invention sont au nombre de 54 :

7 26 38 40 57 63 68 75 76 77 81 83 88 89 105 109 110 113
 114 134 137 141 144 147 153 155 158 164 167 169 170 171
 35 198 199 208 209 211 212 213 216 220 221 223 230 231 234
 250 253 257 259 260 265 271 277, conformément à la figure 9.

Dans cet exemple, tous les couples d'allèles peuvent être différenciés.

on procède ensuite à la recherche des mutations obligatoires :

- 5 DQB1*0402 et DQB1*0401 ne diffèrent que par 68,
 DQB1*03032 et DQB1*03031 ne diffèrent que par 63,
 DQB1*03032 et DQB1*0302 ne diffèrent que par 170.

Il ressort de cette recherche que les positions obligatoires parmi les mutations utiles sont 63, 68
 10 et 170.

dans le cas présent, les 3 mutations obligatoires ne permettent pas de discriminer tous les couples d'allèles possibles ; il n'existe pas de solutions avec un nombre de mutations inférieur à 7 (soit 4 mutations supplémentaires. Tous les cibles de mutations possibles à 7 mutations sont :

- 1- 63, 68, 170, 7, 76, 88, 171,
- 2- 63, 68, 170, 7, 77, 88, 171,
- 3- 63, 68, 170, 26, 76, 88, 171,
- 20 4- 63, 68, 170, 26, 76, 88, 231,
- 5- 63, 68, 170, 26, 77, 88, 171,
- 6- 63, 68, 170, 26, 77, 88, 231,
- 7- 63, 68, 170, 57, 76, 88, 171,
- 8- 63, 68, 170, 57, 77, 88, 171,
- 25 9- 63, 68, 170, 76, 88, 109, 171,
- 10- 63, 68, 170, 76, 88, 113, 171,
- 11- 63, 68, 170, 76, 88, 114, 171,
- 12- 63, 68, 170, 76, 88, 114, 231,
- 13- 63, 68, 170, 76, 88, 134, 171,
- 30 14- 63, 68, 170, 76, 88, 141, 171,
- 15- 63, 68, 170, 76, 88, 141, 231,
- 16- 63, 68, 170, 76, 88, 153, 171,
- 17- 63, 68, 170, 76, 88, 158, 171,
- 18- 63, 68, 170, 76, 88, 158, 231,
- 35 19- 63, 68, 170, 76, 88, 164, 171, et
- 20- 63, 68, 170, 76, 88, 164, 231,

conformément aux figures 10.1 à 10.20 et montrent qu'il est possible d'identifier un allèle du gène DQ β 1 à l'aide de l'un quelconque de ces cibles de mutations.

Ainsi que cela ressort de ce qui précède,
5 l'invention ne se limite nullement à ceux de ses modes de mise en oeuvre, de réalisation et d'application qui viennent d'être décrits de façon plus explicite ; elle en embrasse au contraire toutes les variantes qui peuvent venir à l'esprit du technicien en la matière, sans
10 s'écartez du cadre, ni de la portée de la présente invention.

REVENDICATIONS

1') Procédé pour la sélection à partir d'un ensemble de séquences alléliques d'un gène polymorphe, d'au moins un crible de mutations destiné à spécifier au moins une sonde nucléotidique apte à être utilisée pour la discrimination de tous les allèles, caractérisé en ce qu'il comprend les étapes suivantes :

- (a) la sélection de tout ou partie d'une séquence *consensus* connue dudit gène polymorphe ;
- 10. (b) la création d'une matrice des mutations des séquences correspondantes d'allèles connus ;

(c) l'identification des séquences indiscernables par comparaison deux à deux (allèles ayant le même profil de mutations dans la séquence sélectionnée en 15 (a)) et l'exclusion d'un des membres desdits couples ;

(d) l'identification et le dénombrement des mutations obligatoires ou mutations dites marqueurs d'allèles, c'est-à-dire celles qui sont nécessaires et suffisantes pour la distinction de deux allèles par ailleurs identiques (ensemble O des mutations obligatoires) ; et

(e) l'obtention dudit/desdits cibles minimaux de mutations, comprenant au moins les mutations obligatoires de l'étape (d).

25 2') Procédé de sélection selon la revendication 1, caractérisé en ce que, préalablement à l'étape (e) d'identification et de dénombrement des mutations obligatoires, ledit procédé comprend :

(f) l'identification des mutations similaires 30 dans chacune desdites séquences d'allèles de l'étape (b), de manière à ne traiter dans les étapes suivantes que les mutations non redondantes et constituant l'ensemble U des mutations utiles ; laquelle étape (f) suivie des étapes (e) et (f) modifiées comme suit :

35 (g) l'identification et le dénombrement des mutations obligatoires ou mutations dites marqueurs d'allèles, parmi les mutations utiles de l'ensemble U, c'est-à-dire celles qui sont nécessaires et suffisantes

pour la distinction de deux allèles par ailleurs identiques (ensemble O' des mutations obligatoires) ; et

(f) si les mutations obligatoires de l'étape (e) ne permettent pas l'obtention directe de cibles de mutations aptes à la différenciation univoque de tous les allèles, on procède à la sélection d'un nombre minimal de mutations utiles de l'étape (d) (sous-ensemble U_1 issu de l'ensemble U des mutations utiles) qui, associées aux mutations obligatoires de l'étape (e), forment le/les cibles de mutations aptes à la différenciation univoque de tous les allèles.

3') Procédé de sélection selon la revendication 2, caractérisé en ce que, préalablement à l'étape (f), ledit procédé comprend une étape (x) de sélection de mutations utiles de l'étape (d) (sous-ensemble U_2 issu de l'ensemble U des mutations utiles), pour former un groupe des mutations utiles les plus adaptées à la réalisation de sondes oligonucléotidiques aptes à être utilisées pour la différenciation de tous les allèles ; laquelle étape (x) est suivie de l'étape (f) modifiée comme suit :

(f) si les mutations obligatoires ne permettent pas la sélection directe de cibles de mutations aptes à la différenciation univoque de tous les allèles, on procède à la sélection d'un nombre minimal de mutations utiles de l'étape (x) qui, associées aux mutations obligatoires de l'étape (e), forment le/les cibles de mutations aptes à la différenciation univoque de tous les allèles.

4') Procédé pour l'identification d'allèles d'un gène polymorphe, caractérisé en ce qu'il comprend les étapes suivantes :

I - la sélection d'au moins un cible de mutations réalisé à partir d'un ensemble de séquences alléliques d'un gène polymorphe au cours des étapes :

35 . (a) à (f) du procédé de sélection selon l'une quelconque des revendications 1 à 3 ; puis

. (g) le choix, parmi les cibles sélectionnés à l'étape (f) dudit procédé de sélection de cibles de

mutations, du crible de mutations le plus adapté à la réalisation de sondes oligonucléotidiques aptes à être utilisées pour la différenciation de tous les allèles ;

II - typage proprement dit d'un allèle X à
5 identifier par :

(h) une hybridation appropriée dudit allèle X avec les sondes oligonucléotidiques sélectionnées à partir du/des cribles de mutations établis au cours des étapes (a) à (g) ; et

10 (i) identification de l'allèle X par détection dudit/desdits hybrides, éventuellement formés au cours de l'étape , (h) .

15 5') Application du procédé selon l'une quelconque des revendications 1 à 3, à la réalisation d'une banque de données constituée par l'ensemble des cribles de mutations obtenus par ledit procédé et destinée à la préparation de sondes nucléotidiques aptes à être utilisées pour la discrimination de tous les allèles.

20 6') Sondes oligonucléotidiques, caractérisées en ce qu'elles sont construites pour la mise en oeuvre d'au moins un crible de mutations issu du procédé de sélection selon l'une quelconque des revendications 1 à 3 ou de la banque de données réalisée selon la 25 revendication 5, en ce qu'elles comprennent entre 15 et 50 bases et en ce qu'elles sont les plus aptes à s'hybrider à une séquence allélique pour l'identification d'allèles d'un gène polymorphe.

7') Sondes selon la revendication 6, caracté-
30 risées en ce qu'elles comprennent une séquence issue de la séquence consensus sélectionnée et dont la base nucléotidique située à l'extrémité 3' correspond à une base en amont d'une des bases mutantes du crible de mutations sélectionné.

8') Kit pour l'identification d'allèles d'un gène polymorphe, caractérisé en ce qu'il comprend au moins :

- des quantités appropriées d'une collection
5 de sondes oligonucléotidiques selon la revendication 6 ou la revendication 7 ; éventuellement associées à :

- des quantités appropriées d'un réactif de détection des hybrides sonde-séquence à identifier éventuellement formés ; et/ou à

10 - un tableau d'interprétation du résultat des hybridations obtenues, en fonction du cible de mutations sélectionné.

9') Kit selon la revendication 8, caractérisé en ce que lesdites sondes comprennent une séquence issue
15 de la séquence *consensus* sélectionnée et dont la base nucléotidique située à l'extrémité 3' correspond à une base en amont d'une des bases mutantes du cible de mutations sélectionné.

10') Kit selon la revendication 8 ou la revendication 9, caractérisé en ce qu'il comprend en outre :

- des quantités appropriées de quatre bases nucléotidiques modifiées, de manière à être incorporables dans le produit d'extension desdites sondes utilisées comme amorces, tout en bloquant l'elongation dudit produit d'extension.

11') Dispositif pour la mise en oeuvre des procédés selon l'une quelconque des revendications 1 à 4, caractérisé en ce qu'il comprend au moins :

- des moyens d'entrée de données (1, 2),
30 - des moyens de calcul programmés pour générer le/les cibles de mutations (4),

- des moyens de mémorisation desdits cibles (3, 3'), et

- des moyens (5) aptes à permettre
35 l'identification des allèles à partir des cibles mémorisés.

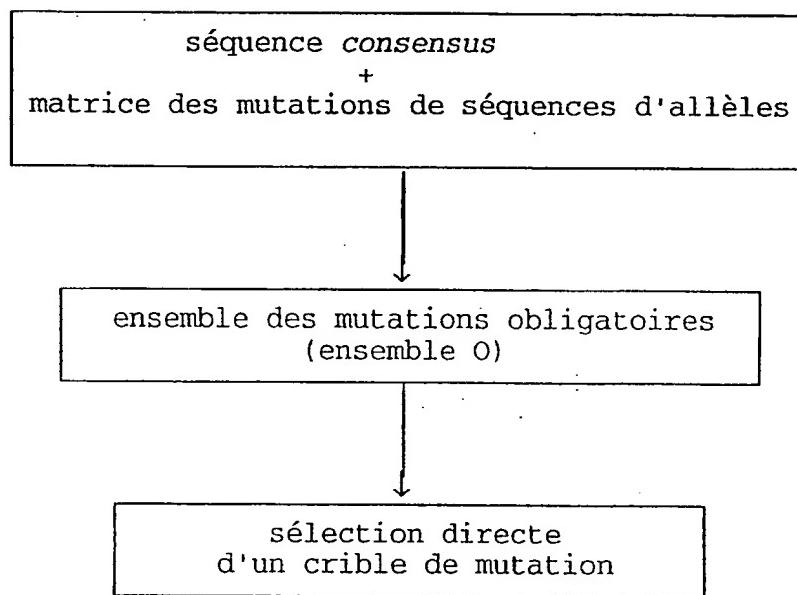
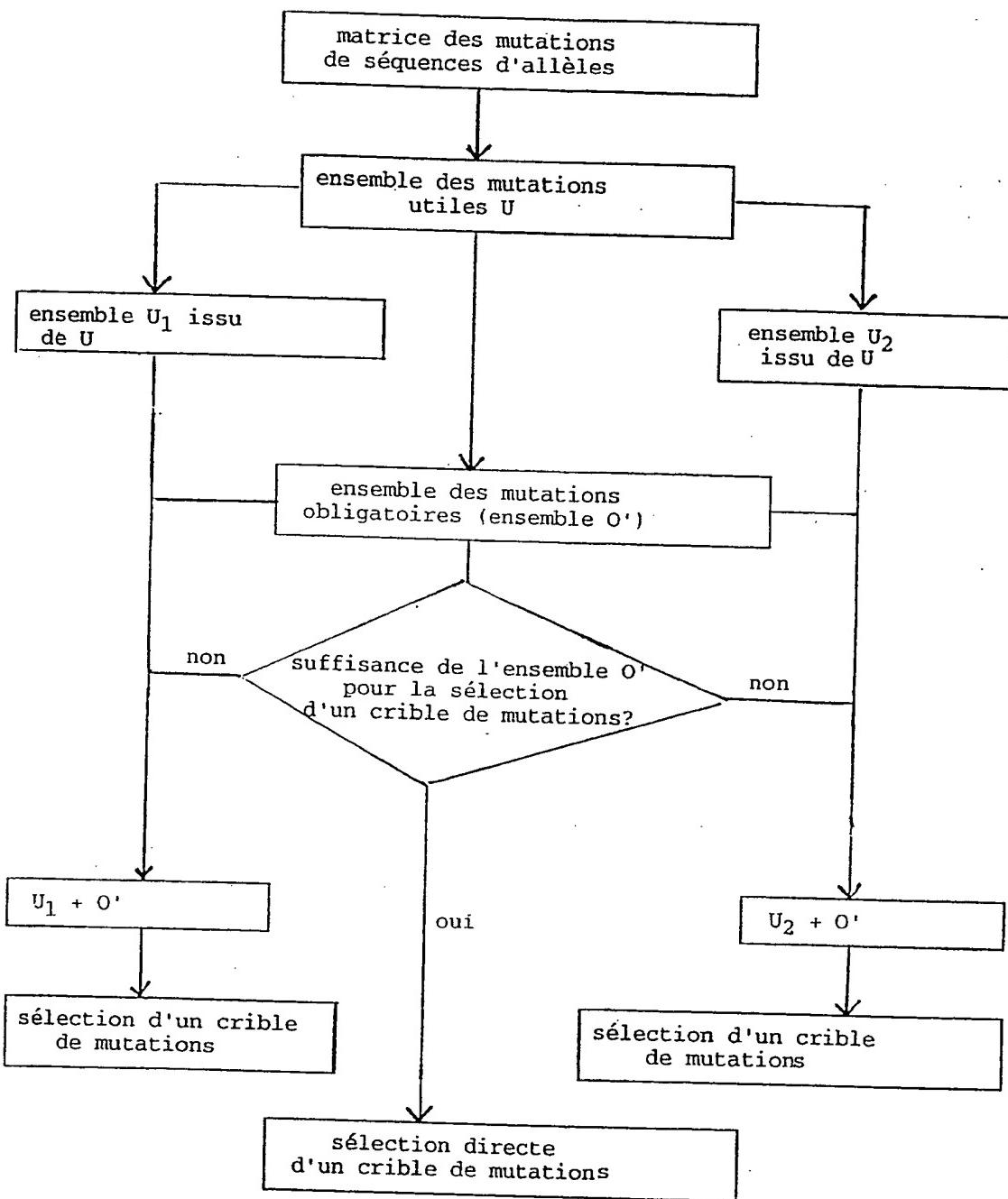
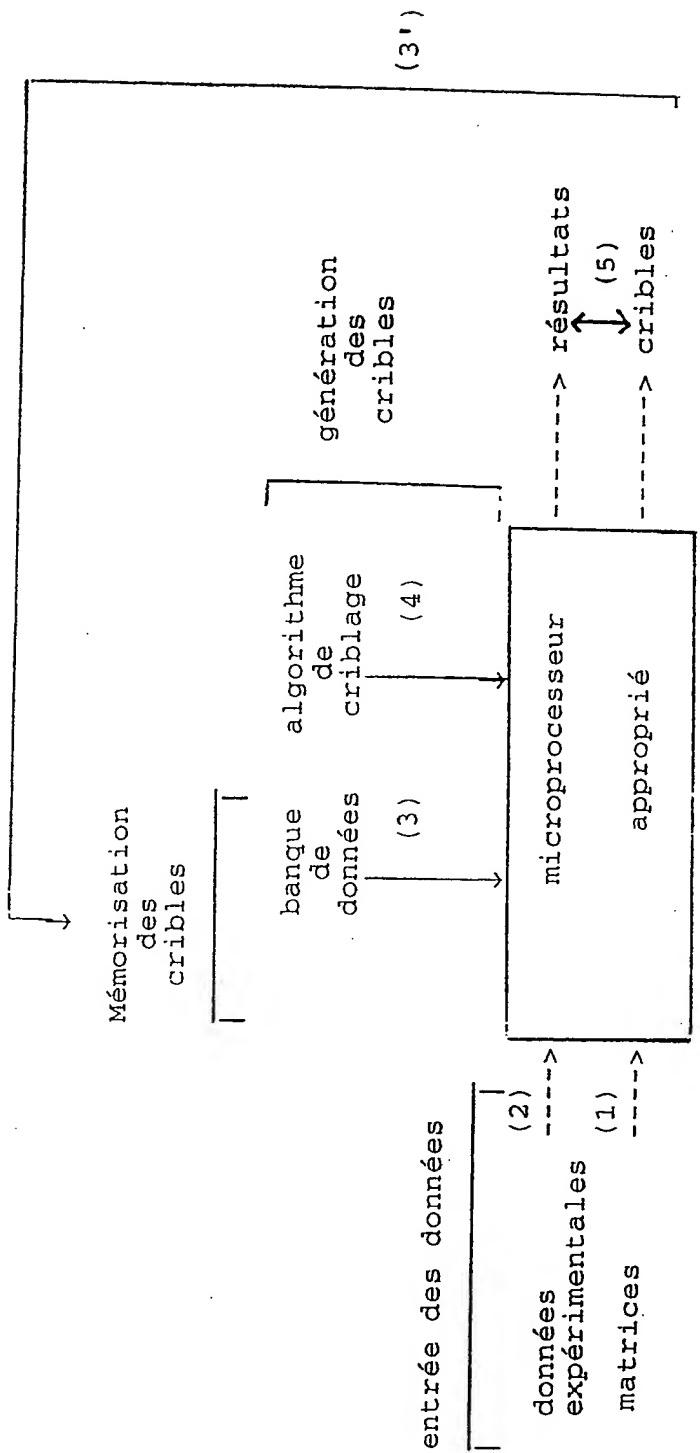


FIGURE 1

FIGURE 2

FIGURE 3

A

4/17

All*0501	ACG	CCG	CAG	GGG	CGG	CCT	GTT	GCC	GAG	TAC	TGG	AAC	ACG	CAG	AAG	GAA	GTC	GTC	GTC
All*0502	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
All*0201	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
All*0202	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
All*0301	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
All*0302	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
All*0401	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-

FIGURE 4

	5	8	14	19	20	21	36	48	49
All*0501	C	A	G	T	C	G	C	A	G
All*0502	-	-	-	A	-	-	-	-	-
All*0201	-	T	T	T	-	C	-	C	A
All*0202	-	H	H	H	-	C	-	C	A
All*0301	-	H	H	C	-	A	-	-	-
All*0302	-	I	I	C	-	C	-	-	-
All*0401	-	I	I	C	-	H	-	-	-

FIGURE 5

5/17

	36	5	20	
All*0301	C	C	A	
All*0302	C	C	C	
All*0502	C	C	G	
All*0501	C	C	T	
All*0201	C	T	C	
All*0202	C	T	C	suppr.
All*0401	T	C	T	

Solution:

	36	8	20	
All*0502	C	A	G	
All*0501	C	A	T	
All*0302	C	C	C	
All*0301	C	T	A	
All*0201	C	T	C	
All*0202	C	T	C	suppr.
All*0401	T	A	T	

Solution:

	36	14	20	
All*0301	C	C	A	
All*0302	C	C	C	
All*0502	C	G	G	
All*0501	C	C	T	
All*0201	C	T	C	
All*0202	C	T	C	suppr.
All*0401	T	G	T	

FIGURE 6

6/17

	5	8	14	19	20	21	36	40	43
	CC	AA	GG	GG	TT	TT	CC	AA	GG
All*0501, All*0501	--	--	--	AG	GT	CT	--	--	--
All*0501, All*0502	CT	AT	GT	--	CT	CT	--	AC	AG
All*0501, All*0201	--	AT	CG	--	AT	CT	--	--	--
All*0501, All*0301	--	AC	CG	--	CT	CT	--	--	--
All*0502, All*0302	--	--	--	--	--	CT	--	--	--
All*0501, All*0401	--	--	--	--	--	CT	--	--	--
All*0502, All*0502	--	--	--	AA	GG	CC	--	AC	AG
All*0502, All*0201	CT	AT	GT	AG	GG	CC	--	--	--
All*0502, All*0301	--	AT	CG	AG	GG	CC	--	--	--
All*0502, All*0301	--	AC	CG	AG	GG	CC	--	--	--
All*0502, All*0302	--	--	--	--	CT	CT	--	--	--
All*0502, All*0401	--	--	--	AG	GT	CT	--	--	--
All*0201, All*0201	TT	TT	TT	--	CC	CC	--	CC	AA
All*0201, All*0301	CT	TT	CT	--	AC	CC	--	AC	AG
All*0201, All*0302	CT	CT	CT	--	CC	CC	--	AC	AG
All*0201, All*0401	CT	AT	GT	--	CT	CT	--	--	--
All*0301, All*0301	--	TT	CG	--	AA	GG	--	--	--
All*0301, All*0302	--	CT	CG	--	AC	CC	--	--	--
All*0301, All*0401	--	AT	CG	--	AT	CT	--	--	--
All*0302, All*0302	--	CC	CG	--	CC	CC	--	--	--
All*0302, All*0401	--	AC	CG	--	CT	CT	--	--	--
All*0401, All*0401	--	--	--	--	--	TT	--	--	--

FIGURE 7

	36	5	20
	CC	CC	AA
All*0301, All*0301	CC	CC	AA
All*0301, All*0302	CC	CC	AC
All*0502, All*0301	CC	CC	AG
All*0501, All*0301	CC	CC	AT
All*0302, All*0302	CC	CC	CC
All*0502, All*0302	CC	CC	CG
All*0501, All*0302	CC	CC	CT
All*0502, All*0502	CC	CC	GG
All*0501, All*0502	CC	CC	GT
All*0501, All*0501	CC	CC	TT
All*0201, All*0301	CC	CT	AC
All*0201, All*0302	CC	CT	CC
All*0502, All*0201	CC	CT	CG
All*0501, All*0201	CC	CT	CT
All*0201, All*0201	CC	TT	CC
All*0301, All*0401	CT	CC	AT
All*0302, All*0401	CT	CC	CT
All*0502, All*0401	CT	CC	GT
All*0501, All*0401	CT	CC	TT
All*0201, All*0401	CT	CT	CT
All*0401, All*0401	TT	CC	TT

FIGURE 8

7/17

FIGURE 9

8/17

FIGURE 10

Solution:

	63	68	170	7	76	88	171
DQB1*0201	A	G	C	T	C	A	C
DQB1*03031	C	G	A	T	C	T	C
DQB1*0402	C	G	A	T	G	T	C
DQB1*0401	C	T	A	T	G	T	C
DQB1*0601	G	G	A	C	T	T	C
DQB1*0603	G	G	A	T	C	C	T
DQB1*03032	G	G	A	T	C	T	C
DQB1*0602	G	G	A	T	C	T	T
DQB1*05031	G	G	A	T	G	C	C
DQB1*05032	G	G	A	*	G	C	T
DQB1*0301	G	G	A	*	T	T	C
DQB1*0302	G	G	C	T	C	T	C
DQB1*0502	G	G	G	T	G	C	C
DQB1*0504	G	G	G	*	G	T	C
DQB1*0604	G	G	T	T	C	C	T
DQB1*0605	G	G	T	T	C	T	T
DQB1*0501	G	G	T	T	G	C	T

10.1

Solution:

	63	68	170	7	77	88	171
DQB1*0201	A	G	C	T	T	A	C
DQB1*0402	C	G	A	T	G	T	C
DQB1*03031	C	G	A	T	T	T	C
DQB1*0401	C	T	A	T	G	T	C
DQB1*0601	G	G	A	C	A	T	C
DQB1*0301	G	G	A	*	A	T	C
DQB1*05031	G	G	A	T	G	C	C
DQB1*05032	G	G	A	*	G	C	T
DQB1*0603	G	G	A	T	T	C	T
DQB1*03032	G	G	A	T	T	T	C
DQB1*0602	G	G	A	T	T	T	T
DQB1*0302	G	G	C	T	T	T	C
DQB1*0502	G	G	G	T	G	C	C
DQB1*0504	G	G	G	*	G	T	C
DQB1*0501	G	G	T	T	G	C	T
DQB1*0604	G	G	T	T	T	C	T
DQB1*0605	G	G	T	T	T	T	T

10.2

9/17

Solution:

	63	68	170	26	76	88	171	
DQB1*0201	A	G	C	A	C	A	C	
DQB1*03031	C	G	A	A	C	T	C	
DQB1*0402	C	G	A	T	G	T	C	
DQB1*0401	C	T	A	T	G	T	C	
DQB1*0603	G	G	A	A	C	C	T	
DQB1*03032	G	G	A	A	C	T	C	10.3
DQB1*05031	G	G	A	A	G	C	C	
DQB1*05032	G	G	A	*	G	C	T	
DQB1*0301	G	G	A	A	T	T	C	
DQB1*0602	G	G	A	T	C	T	T	
DQB1*0601	G	G	A	T	T	T	C	
DQB1*0302	G	G	C	A	C	T	C	
DQB1*0502	G	G	G	A	G	C	C	
DQB1*0504	G	G	G	*	G	T	C	
DQB1*0604	G	G	T	A	C	C	T	
DQB1*0605	G	G	T	A	C	T	T	
DQB1*0501	G	G	T	A	G	C	T	

Solution:

	63	68	170	26	76	88	231	
DQB1*0201	A	G	C	A	C	A	G	
DQB1*03031	C	G	A	A	C	T	G	
DQB1*0402	C	G	A	T	G	T	C	
DQB1*0401	C	T	A	T	G	T	C	
DQB1*0603	G	G	A	A	C	C	G	
DQB1*03032	G	G	A	A	C	T	G	10.4
DQB1*05031	G	G	A	A	G	C	A	
DQB1*05032	G	G	A	*	G	C	*	
DQB1*0301	G	G	A	A	T	T	G	
DQB1*0602	G	G	A	T	C	T	G	
DQB1*0601	G	G	A	T	T	T	G	
DQB1*0302	G	G	C	A	C	T	G	
DQB1*0502	G	G	G	A	G	C	A	
DQB1*0504	G	G	G	*	G	T	G	
DQB1*0604	G	G	T	A	C	C	G	
DQB1*0605	G	G	T	A	C	T	G	
DQB1*0501	G	G	T	A	G	C	G	

10/17

Solution:

	63	68	170	26	77	88	171	
DQB1*0201	A	G	C	A	T	A	C	
DQB1*03031	C	G	A	A	T	T	C	
DQB1*0402	C	G	A	T	G	T	C	
DQB1*0401	C	T	A	T	G	T	C	
DQB1*0301	G	G	A	A	A	T	C	
DQB1*05031	G	G	A	A	G	C	C	
DQB1*05032	G	G	A	*	G	C	C	
DQB1*0603	G	G	A	A	T	C	T	
DQB1*03032	G	G	A	A	T	T	T	10.5
DQB1*0601	G	G	A	T	A	T	C	
DQB1*0602	G	G	A	T	T	T	T	
DQB1*0302	G	G	C	A	T	T	T	
DQB1*0502	G	G	G	A	G	C	C	
DQB1*0504	G	G	G	*	G	T	C	
DQB1*0501	G	G	G	A	G	T	C	
DQB1*0604	G	G	T	A	G	C	T	
DQB1*0605	G	G	T	A	T	T	T	

Solution:

	63	68	170	26	77	88	231	
DQB1*0201	A	G	C	A	T	A	G	
DQB1*03031	C	G	A	A	T	T	G	
DQB1*0402	C	G	A	T	G	T	C	
DQB1*0401	C	T	A	T	G	T	C	
DQB1*0301	G	G	A	A	A	T	G	
DQB1*05031	G	G	A	A	G	C	A	10.6
DQB1*05032	G	G	A	*	G	C	*	
DQB1*0603	G	G	A	A	T	C	G	
DQB1*03032	G	G	A	A	T	T	G	
DQB1*0601	G	G	A	A	T	A	T	
DQB1*0602	G	G	A	T	T	T	G	
DQB1*0302	G	G	C	A	T	T	G	
DQB1*0502	G	G	G	A	G	C	A	
DQB1*0504	G	G	G	*	G	T	G	
DQB1*0501	G	G	G	A	G	C	G	
DQB1*0604	G	G	T	A	G	C	G	
DQB1*0605	G	G	T	A	T	T	G	

11/17

Solution:

	63	68	170	57	76	88	171	
DQB1*0201	A	G	C	C	C	A	C	
DQB1*03031	C	G	A	C	C	T	C	
DQB1*0402	C	G	A	C	G	T	C	
DQB1*0401	C	T	A	C	G	T	C	
DQB1*0603	G	G	A	C	C	C	T	
DQB1*03032	G	G	A	C	C	T	C	
DQB1*0602	G	G	A	C	C	T	T	
DQB1*05031	G	G	A	C	G	C	C	
DQB1*05032	G	G	A	*	G	C	T	
DQB1*0301	G	G	A	C	T	T	C	
DQB1*0601	G	G	A	T	T	T	C	
DQB1*0302	G	G	C	C	C	T	C	
DQB1*0502	G	G	G	C	G	C	C	
DQB1*0504	G	G	G	*	G	T	C	
DQB1*0604	G	G	T	C	C	C	T	
DQB1*0605	G	G	T	C	C	T	T	
DQB1*0501	G	G	T	C	G	C	T	

10.7

Solution:

	63	68	170	57	77	88	171	
DQB1*0201	A	G	C	C	T	A	C	
DQB1*0402	C	G	A	C	G	T	C	
DQB1*03031	C	G	A	C	T	T	C	
DQB1*0401	C	T	A	C	G	T	C	
DQB1*0301	G	G	A	C	A	T	C	
DQB1*05031	G	G	A	C	G	C	C	
DQB1*05032	G	G	A	*	G	C	T	
DQB1*0603	G	G	A	C	T	C	T	
DQB1*03032	G	G	A	C	T	T	C	
DQB1*0602	G	G	A	C	T	T	T	
DQB1*0601	G	G	A	T	A	T	C	
DQB1*0302	G	G	C	C	T	T	C	
DQB1*0502	G	G	G	C	G	C	C	
DQB1*0504	G	G	G	*	G	T	C	
DQB1*0501	G	G	T	C	G	C	T	
DQB1*0604	G	G	T	C	T	C	T	
DQB1*0605	G	G	T	C	T	T	T	

10.8

12/17

Solution:

	63	68	170	76	88	109	171	
DQB1*0201	A	G	C	C	A	A	C	
DQB1*03031	C	G	A	C	T	T	C	
DQB1*0402	C	G	A	G	T	T	C	
DQB1*0401	C	T	A	G	T	T	T	
DQB1*0603	G	G	A	C	C	T	C	
DQB1*03032	G	G	A	C	T	T	T	
DQB1*0602	G	G	A	C	T	T	C	10.9
DQB1*05031	G	G	A	G	C	T	T	
DQB1*05032	G	G	A	G	C	T	T	
DQB1*0601	G	G	A	T	T	G	C	
DQB1*0301	G	G	A	T	T	T	C	
DQB1*0302	G	G	C	C	T	T	C	
DQB1*0502	G	G	G	G	C	T	C	
DQB1*0504	G	G	G	G	T	T	C	
DQB1*0604	G	G	T	C	C	T	T	
DQB1*0605	G	G	T	C	T	T	T	
DQB1*0501	G	G	T	G	C	T	T	

Solution:

	63	68	170	76	88	113	171	
DQB1*0201	A	G	C	C	A	T	C	
DQB1*03031	C	G	A	C	T	C	C	
DQB1*0402	C	G	A	G	T	C	C	
DQB1*0401	C	T	A	G	T	C	C	
DQB1*0603	G	G	A	C	C	C	T	
DQB1*03032	G	G	A	C	T	C	C	
DQB1*0602	G	G	A	C	T	C	T	
DQB1*05031	G	G	A	G	C	T	C	10.10
DQB1*05032	G	G	A	G	C	T	T	
DQB1*0301	G	G	A	T	T	C	C	
DQB1*0601	G	G	A	T	T	T	C	
DQB1*0302	G	G	C	C	T	C	C	
DQB1*0502	G	G	G	G	C	T	C	
DQB1*0504	G	G	G	G	T	T	C	
DQB1*0604	G	G	T	C	C	C	T	
DQB1*0605	G	G	T	C	T	C	T	
DQB1*0501	G	G	T	G	C	T	T	

13/17

Solution:

	63	68	170	76	88	114	171	
DQB1*0201	A	G	C	C	A	G	C	
DQB1*03031	C	G	A	C	T	A	C	
DQB1*0402	C	G	A	G	T	G	C	
DQB1*0401	C	T	A	G	T	G	C	
DQB1*0603	G	G	A	C	C	G	T	
DQB1*03032	G	G	A	C	T	A	C	10.11
DQB1*0602	G	G	A	C	T	G	T	
DQB1*05031	G	G	A	G	C	G	C	
DQB1*05032	G	G	A	G	C	G	T	
DQB1*0301	G	G	A	T	T	A	C	
DQB1*0601	G	G	A	T	T	G	C	
DQB1*0302	G	G	C	C	T	A	C	
DQB1*0502	G	G	G	G	C	G	C	
DQB1*0504	G	G	G	G	T	G	C	
DQB1*0604	G	G	T	C	C	G	T	
DQB1*0605	G	G	T	C	T	G	T	
DQB1*0501	G	G	T	G	C	G	T	

Solution:

	63	68	170	76	88	114	231	
DQB1*0201	A	G	C	C	A	G	G	
DQB1*03031	C	G	A	C	T	A	G	
DQB1*0402	C	G	A	G	T	G	C	
DQB1*0401	C	T	A	G	T	G	C	
DQB1*0603	G	G	A	C	C	G	G	
DQB1*03032	G	G	A	C	T	A	G	
DQB1*0602	G	G	A	C	T	G	G	
DQB1*05031	G	G	A	G	C	G	A	10.12
DQB1*05032	G	G	A	G	C	G	*	
DQB1*0301	G	G	A	T	T	A	G	
DQB1*0601	G	G	A	T	T	G	G	
DQB1*0302	G	G	C	C	T	A	G	
DQB1*0502	G	G	G	G	C	G	A	
DQB1*0504	G	G	G	G	T	G	G	
DQB1*0604	G	G	T	C	C	G	G	
DQB1*0605	G	G	T	C	T	G	G	
DQB1*0501	G	G	T	G	C	G	G	

14/17

Solution:

	63	68	170	76	88	134	171	
DQB1*0201	A	G	C	C	A	G	C	
DQB1*03031	C	G	A	C	T	G	C	
DQB1*0402	C	G	A	G	T	G	C	
DQB1*0401	C	T	A	G	T	G	C	
DQB1*0603	G	G	A	C	C	G	T	
DQB1*03032	G	G	A	C	T	G	C	
DQB1*0602	G	G	A	C	T	G	T	
DQB1*05031	G	G	A	G	C	G	C	
DQB1*05032	G	G	A	G	C	G	T	10.13
DQB1*0301	G	G	A	T	T	A	C	
DQB1*0601	G	G	A	T	T	G	C	
DQB1*0302	G	G	C	C	T	G	C	
DQB1*0502	G	G	G	G	C	G	C	
DQB1*0504	G	G	G	G	T	G	C	
DQB1*0604	G	G	T	C	C	G	T	
DQB1*0605	G	G	T	C	T	G	T	
DQB1*0501	G	G	T	G	C	G	T	

Solution:

	63	68	170	76	88	141	171	
DQB1*0201	A	G	C	C	A	C	C	
DQB1*03031	C	G	A	C	T	T	C	
DQB1*0402	C	G	A	G	T	T	C	
DQB1*0401	C	T	A	G	T	T	C	
DQB1*0603	G	G	A	C	C	C	T	
DQB1*0602	G	G	A	C	T	C	T	
DQB1*03032	G	G	A	C	T	T	C	10.14
DQB1*05031	G	G	A	G	C	T	C	
DQB1*05032	G	G	A	G	C	T	T	
DQB1*0301	G	G	A	T	T	C	C	
DQB1*0601	G	G	A	T	T	T	C	
DQB1*0302	G	G	C	C	T	T	C	
DQB1*0502	G	G	G	G	C	C	C	
DQB1*0504	G	G	G	G	T	C	C	
DQB1*0604	G	G	T	C	C	C	T	
DQB1*0605	G	G	T	C	T	C	T	
DQB1*0501	G	G	T	G	C	C	T	

15/17

Solution:

	63	68	170	76	88	141	231	
DQB1*0201	A	G	C	C	A	C	G	
DQB1*03031	C	G	A	C	T	T	G	
DQB1*0402	C	G	A	G	T	T	C	
DQB1*0401	C	T	A	G	T	T	C	
DQB1*0603	G	G	A	C	C	C	G	
DQB1*0602	G	G	A	C	T	C	G	
DQB1*03032	G	G	A	C	T	T	G	
DQB1*05031	G	G	A	G	C	T	A	
DQB1*05032	G	G	A	G	C	T	*	
DQB1*0301	G	G	A	T	T	C	G	
DQB1*0601	G	G	A	T	T	T	G	
DQB1*0302	G	G	C	C	T	T	G	
DQB1*0502	G	G	G	G	C	C	A	
DQB1*0504	G	G	G	G	T	C	G	
DQB1*0604	G	G	T	C	C	C	G	
DQB1*0605	G	G	T	C	T	C	G	
DQB1*0501	G	G	T	G	C	C	G	

10.15

Solution:

	63	68	170	76	88	153	171	
DQB1*0201	A	G	C	C	A	G	C	
DQB1*03031	C	G	A	C	T	G	C	
DQB1*0402	C	G	A	G	T	G	C	
DQB1*0401	C	T	A	G	T	G	C	
DQB1*0603	G	G	A	C	C	G	T	
DQB1*03032	G	G	A	C	T	G	C	
DQB1*0602	G	G	A	C	T	G	C	
DQB1*05031	G	G	A	G	C	G	T	
DQB1*05032	G	G	A	G	C	G	C	
DQB1*0601	G	G	A	T	T	C	C	
DQB1*0301	G	G	A	T	T	G	C	
DQB1*0302	G	G	C	C	T	G	C	
DQB1*0502	G	G	G	G	C	G	C	
DQB1*0504	G	G	T	C	C	G	C	
DQB1*0604	G	G	T	C	T	G	T	
DQB1*0605	G	G	T	C	T	G	T	
DQB1*0501	G	G	T	G	C	G	T	

10.16

16/17

Solution:

	63	68	170	76	88	158	171	
DQB1*0201	A	G	C	C	A	T	C	
DQB1*03031	C	G	A	C	T	T	C	
DQB1*0402	C	G	A	G	T	T	C	
DQB1*0401	C	T	A	G	T	T	C	
DQB1*0603	G	G	A	C	C	A	T	
DQB1*0602	G	G	A	C	T	A	T	10.17
DQB1*03032	G	G	A	C	T	T	C	
DQB1*05031	G	G	A	G	C	A	C	
DQB1*05032	G	G	A	G	C	A	T	
DQB1*0601	G	G	A	T	T	A	C	
DQB1*0301	G	G	A	T	T	T	C	
DQB1*0302	G	G	C	C	T	T	C	
DQB1*0502	G	G	G	G	C	A	C	
DQB1*0504	G	G	G	G	T	A	C	
DQB1*0604	G	G	T	C	C	A	T	
DQB1*0605	G	G	T	C	T	A	T	
DQB1*0501	G	G	T	G	C	A	T	

Solution:

	63	68	170	76	88	158	231	
DQB1*0201	A	G	C	C	A	T	G	
DQB1*03031	C	G	A	C	T	T	G	
DQB1*0402	C	G	A	G	T	T	C	
DQB1*0401	C	T	A	G	T	T	C	
DQB1*0603	G	G	A	C	C	A	G	10.18
DQB1*0602	G	G	A	C	T	A	G	
DQB1*03032	G	G	A	C	T	T	G	
DQB1*05031	G	G	A	G	C	A	A	
DQB1*05032	G	G	A	G	C	A	*	
DQB1*0601	G	G	A	T	T	A	G	
DQB1*0301	G	G	A	T	T	T	G	
DQB1*0302	G	G	C	C	T	T	G	
DQB1*0502	G	G	G	G	C	A	A	
DQB1*0504	G	G	G	G	T	A	G	
DQB1*0604	G	G	T	C	C	A	G	
DQB1*0605	G	G	T	C	T	A	G	
DQB1*0501	G	G	T	G	C	A	G	

17/17

Solution:

	63	68	170	76	88	164	171	
DQB1*0201	A	G	C	C	A	T	C	
DQB1*03031	C	G	A	C	T	C	C	
DQB1*0402	C	G	A	G	T	G	C	
DQB1*0401	C	T	A	G	T	G	C	
DQB1*0603	G	G	A	C	C	G	T	
DQB1*03032	G	G	A	C	T	C	C	
DQB1*0602	G	G	A	C	T	G	T	10.19
DQB1*05031	G	G	A	G	C	G	C	
DQB1*05032	G	G	A	G	C	G	T	
DQB1*0301	G	G	A	T	T	C	T	
DQB1*0601	G	G	A	T	T	G	C	
DQB1*0302	G	G	C	C	T	C	C	
DQB1*0502	G	G	G	G	C	G	C	
DQB1*0504	G	G	G	G	T	G	C	
DQB1*0604	G	G	T	C	C	G	T	
DQB1*0605	G	G	T	C	T	G	T	
DQB1*0501	G	G	T	G	C	G	T	

Solution:

	63	68	170	76	88	164	231	
DQB1*0201	A	G	C	C	A	T	G	
DQB1*03031	C	G	A	C	T	C	G	
DQB1*0402	C	G	A	G	T	G	C	
DQB1*0401	C	T	A	G	T	G	C	10.20
DQB1*0603	G	G	A	C	C	G	G	
DQB1*03032	G	G	A	C	T	C	G	
DQB1*0602	G	G	A	C	T	G	G	
DQB1*05031	G	G	A	G	C	G	G	
DQB1*05032	G	G	A	G	C	G	A	
DQB1*0301	G	G	A	T	T	C	G	
DQB1*0601	G	G	A	T	T	G	G	
DQB1*0302	G	G	C	C	T	C	G	
DQB1*0502	G	G	G	G	C	G	A	
DQB1*0504	G	G	G	G	T	G	G	
DQB1*0604	G	G	T	C	C	G	G	
DQB1*0605	G	G	T	C	T	G	G	
DQB1*0501	G	G	T	G	C	G	G	

INSTITUT NATIONAL
de la
PROPRIETE INDUSTRIELLE

RAPPORT DE RECHERCHE

établi sur la base des dernières revendications
déposées avant le commencement de la recherche

N° d'enregistrement
national

FR 9114996

FA 466981

Page 1

DOCUMENTS CONSIDERES COMME PERTINENTS		Revendications concernées de la demande examinée
Catégorie	Citation du document avec indication, en cas de besoin, des parties pertinentes	
A	<p>PROCEEDINGS OF THE NATIONAL ACADEMY OF SCIENCES OF USA, vol. 83, Octobre 1986, WASHINGTON US pages 7836 - 7840; I. LE GALL ET AL.: 'Two DRα allelic series defined by exon II-specific synthetic oligonucleotide genomic hybridization: A method of HLA typing?' * abrégé * * page 7837, colonne de gauche, ligne 13 - page 7838, colonne de gauche, ligne 25 * * page 7840, colonne de gauche, ligne 15 - ligne 33 *</p> <p>---</p>	1
A	<p>HUMAN IMMUNOLOGY vol. 24, no. 1, Janvier 1989, NEW YORK, USA pages 1 - 14; J.-M- TIERCY ET AL.: 'DNA typing of DRw6 subtypes: correlation with DRB1 and DRB3 allelic sequences by hybridization with oligonucleotide probes' * abrégé * * "Results" *</p> <p>---</p>	1-4
A	<p>IMMUNOGENETICS vol. 32, 1990, NEW YORK, USA pages 231 - 241; T.L.BUGAWAN ET AL.: 'Rapid HLA-DPB typing using enzymatically amplified DNA and nonradioactive sequence-specific oligonucleotide probes' * page 232, colonne de droite, ligne 27 - ligne 58 * * " Discussion" *</p> <p>---</p>	1
D,A	<p>EP-A-0 412 883 (BERTIN & CIE) * le document en entier *</p> <p>---</p>	1,7,9
A	<p>EP-A-0 237 362 (CETUS CORPORATION) * page 33, ligne 20 - page 45, ligne 25 *</p> <p>---</p>	1,6,7
Date d'achèvement de la recherche		Examinateur
20 AOUT 1992		LUZZATTO E. R.
CATEGORIE DES DOCUMENTS CITES		
X : particulièrement pertinent à lui seul	T : théorie ou principe à la base de l'invention	
Y : particulièrement pertinent en combinaison avec un autre document de la même catégorie	E : document de brevet bénéficiant d'une date antérieure à la date de dépôt et qui n'a été publié qu'à cette date de dépôt ou qu'à une date postérieure.	
A : pertinent à l'encontre d'au moins une revendication ou arrière-plan technologique général	D : cité dans la demande	
O : divulgation non-écrite	L : cité pour d'autres raisons	
P : document intercalaire	& : membre de la même famille, document correspondant	

N° d'enregistrement
national

**INSTITUT NATIONAL
de la
PROPRIETE INDUSTRIELLE**

RAPPORT DE RECHERCHE

établi sur la base des dernières revendications déposées avant le commencement de la recherche

FR 9114996
FA 466981
Page 2

Selecting oligo-nucleotide probe for identifying allele of polymorphic gene - by choosing the min. number of probes necessary for unequivocal discrimination from mutant forms of consensus sequence

Patent Assignee: BERTIN & CIE

Inventors: BOUGUELERET L; COHEN D; COHEN N; DAUSSET J

Patent Family (5 patents, 22 countries)

Patent Number	Kind	Date	Application Number	Kind	Date	Update	Type
WO 1993011262	A1	19930610	WO 1992FR1141	A	19921203	199324	B
EP 549388	A1	19930630	EP 1992403267	A	19921203	199326	E
FR 2684688	A1	19930611	FR 199114996	A	19911204	199336	E
AU 199333550	A	19930628	AU 199333550	A	19921203	199342	E
JP 7501449	W	19950216	WO 1992FR1141	A	19921203	199516	E
			JP 1993509904	A	19921203		

Priority Application Number (Number Kind Date): FR 199114996 A 19911204

Patent Details

Patent Number	Kind	Language	Pages	Drawings	Filing Notes
WO 1993011262	A1	EN	43	0	
National Designated States,Original	AU CA JP KR US				
Regional Designated States,Original	AT BE CH DE DK ES FR GB GR IE IT LU MC NL PT SE				
EP 549388	A1	FR	26	10	
Regional Designated States,Original	AT BE CH DE DK ES FR GB GR IT LI LU NL SE				
FR 2684688	A1	FR	39	10	
AU 199333550	A	EN			Based on OPI patent WO 1993011262
JP 7501449	W	JA			PCT Application WO 1992FR1141 Based on OPI patent WO 1993011262

Alerting Abstract: WO A1

Process for selecting, from a set of allelic sequences of a polymorphic gene (PG), at least one mutation screen able to specify at least one oligonucleotide probe for distinguishing between all alleles, comprises: (1) selecting all or part of a known consensus sequence (CS) of PG; (2) producing a matrix of mutations with sequences corresponding to known alleles; (3) identifying indiscernible sequences by pairwise comparison (i.e. alleles having the same mutation profile in CS) and excluding one member of each pair; (4) identifying and numbering obligatory mutations and 'marker' mutations (i.e. those which are necessary and sufficient to distinguish 2 otherwise identical alleles; set O of obligatory mutations), and (5) producing at least one minimal mutation screen comprising at least these obligatory mutations.

To identify alleles, the screen selected in step (5) which is most suitable for prodn. of probes to differentiate between the alleles is chosen and these probes used for hybridisation typing of the alleles.

USE/ADVANTAGE - This method provides rapid and reliable identification of alleles without requiring a large no. of probes. It can identify homozygotic doublets and differentiate them from heterozygotic doublets.

International Classification (Main): C12Q-001/68 (Additional/Secondary): C07H-021/00, C12N-015/11, G06F-015/20

Original Publication Data by Authority**Australia**

Publication Number: AU 199333550 A (Update 199342 E)

Publication Date: 19930628

Assignee: BERTIN & CIE (BERU)

Inventor: COHEN N BOUGUELERET L COHEN D DAUSSET J

Language: EN

Application: AU 199333550 A 19921203 (Local application)

Priority: FR 199114996 A 19911204

Related Publication: WO 1993011262 A (Based on OPI patent)

Original IPC: C12Q-1/68(A)

Current IPC: C12Q-1/68(A)

European Patent Office

Publication Number: EP 549388 A1 (Update 199326 E)

Publication Date: 19930630

Auswahlverfahren von mindestens einem Mutationssieb, seine Anwendung auf ein schnelles Identifizierungsverfahren von Allelen von polymorphen Systemen und Apparat zu seiner Durchfuehrung Method for the selection of at least one mutations' screen, its application to a rapid identification of polymorphic systems' alleles and apparatus for carrying it out Procede de selection d'au moins un crible de mutations, son application a un procede d'identification rapide d'alleles de systemes polymorphes et dispositif pour sa mise en oeuvre

Assignee: BERTIN CIE, Zone Industrielle Boite postale 3, F-78373 Plaisir Cedex, FR (BERU)

Inventor: Cohen, Nadine, 64 rue de Meaux, F-75019 Paris, FR Bougueleret, Lydie, 10 rue Franquet, F-75015 Paris, FR Cohen, Daniel, 5 rue Jeanne d'arc, F-94160 saint Mande, FR Dausset, Jean, 7 rue Villersexel, F-75007 Paris, FR

Agent: Ores, Bernard et al, Cabinet ORES 6, Avenue de Messine, F-75008 Paris, FR

Language: FR (26 pages, 10 drawings)

Application: EP 1992403267 A 19921203 (Local application)

Priority: FR 199114996 A 19911204

Designated States: (Regional Original) AT BE CH DE DK ES FR GB GR IT LI LU NL SE

Original IPC: C12Q-1/68(A)

Current IPC: C12Q-1/68(A)

Original Abstract: Methods for the selection of at least one mutation screen from a set of allelic sequences of a polymorphic gene and for the rapid identification of alleles of polymorphic genes, nucleotide probes obtained from the said mutation screens, especially consisting of a data bank and device for implementing the said methods. The method for the identification of alleles comprises: (a) the selection of all or part of a known consensus sequence of the said polymorphic gene; (b) the creation of a template for the mutations of the corresponding sequences of known alleles; (c) the identification of the indiscernible sequences by comparison in pairs (alleles having the same mutation profile in the sequence selected in (a)) and the exclusion of one of the members of the said pairs; (e) the identification and the enumeration of the obligatory mutations or the so-called allele marker mutations, that is to say those which are required or sufficient for distinguishing two alleles which are otherwise identical (set O of obligatory mutations); and (f) the production of the said minimum mutation screen(s) comprising at least the obligatory mutations of step (e); and then (g) the selection, among the screens selected in step (f) of the said method for the selection of mutation screens, of the mutation screen which is most suitable for the preparation of oligonucleotide probes suitable for use in the differentiation of all the alleles; (h) an appropriate hybridisation of an allele X to be identified with the oligonucleotide probes selected from the mutation screen(s) established in steps (a) to (g); and (i) identification of the allele X by detecting the said hybrid(s) optionally formed in step (h).

Claim: 1. Procéde pour la sélection à partir d'un ensemble de séquences alléliques d'un gène polymorphe, d'au moins un crible de mutations destiné à spécifier au moins une sonde nucléotidique apte à être utilisée pour la discrimination de tous les alleles, caractérisé en ce qu'il comprend les étapes suivantes: * (a) la sélection de tout ou partie d'une séquence consensus connue du gène polymorphe; (b) la création d'une matrice des mutations de séquences correspondantes d'alleles connus; (c) l'identification de séquences indiscernables par comparaison deux à deux (alleles ayant le même profil de mutations dans la séquence sélectionnée en (a)) et l'exclusion d'un des membres desdits couples; (e) l'identification et le dénombrement des mutations obligatoires ou mutations dites marqueurs d'alleles, c'est-à-dire celles qui sont nécessaires et suffisantes pour la distinction de deux alleles par ailleurs identiques (ensemble O des mutations obligatoires); et (f) l'obtention du/desdits cribles minimaux de mutations, comprenant au moins les mutations obligatoires de l'étape (e).

France

Publication Number: FR 2684688 A1 (Update 199336 E)

Publication Date: 19930611

Assignee: BERTIN & CIE (BERU)

Inventor: COHEN N BOUGUELERET L COHEN D DAUSSET J

Language: FR (39 pages, 10 drawings)

Application: FR 199114996 A 19911204 (Local application)

Original IPC: C12Q-1/68(A) C07H-21/00(B) G06F-15/20(B)

Current IPC: C12Q-1/68(A) C07H-21/00(B) G06F-15/20(B)

Japan

Publication Number: JP 7501449 W (Update 199516 E)

Publication Date: 19950216

Assignee: BERTIN & CIE (BERU)

Language: JA

Application: WO 1992FR1141 A 19921203 (PCT Application) JP 1993509904 A 19921203 (Local application)

Priority: FR 199114996 A 19911204

Related Publication: WO 1993011262 A (Based on OPI patent)

Original IPC: C12Q-1/68(A) C12N-15/11(B)

Current IPC: C12Q-1/68(A) C12N-15/11(B)

WIPO

Publication Number: WO 1993011262 A1 (Update 199324 B)

Publication Date: 19930610

METHOD OF SELECTING AT LEAST ONE MUTATION SCREEN, ITS APPLICATION TO A METHOD FOR RAPID IDENTIFICATION OF ALLELES OF POLYMORPHOUS SYSTEMS AND DEVICE FOR IMPLEMENTATION THEREOF

Assignee: BERTIN CIE, FR (BERU)

Inventor: COHEN, NADINE, FR BOUGUELERET, LYDIE, FR COHEN, DANIEL, FR DAUSSET, JEAN, FR

Language: EN (43 pages, 0 drawings)

Application: WO 1992FR1141 A 19921203 (Local application)

Priority: FR 199114996 A 19911204

Designated States: (National Original) AU CA JP KR US (Regional Original) AT BE CH DE DK ES
FR GB GR IE IT LU MC NL PT SE

Original IPC: C12Q-1/68(A)

Current IPC: C12Q-1/68(A)

Original Abstract: Methods of selecting at least one mutation screen from a series of allele sequences of a polymorphous gene and for rapid identification of alleles of polymorphous genes, nucleotide probes obtained from the said mutation screens, placed specifically in data bank form, and a device for implementing the said method are disclosed. The method for identifying alleles consists of: (a) selecting all or part of a known (consensus) sequence of the said polymorphous gene; (b) creating a mutation matrix for the corresponding sequences of known alleles; (c) identifying indiscernable sequences by comparison in twos (alleles having the same mutation profile in the sequence selected in (a)) and excluding one of the members of the said pairs; (d) identifying and counting the obligatory mutations or allele marker mutations, i.e.those which are necessary and adequate for distinguishing between two alleles which are otherwise identical (set O of obligatory mutations); and (f) obtaining the said minimum mutation screen(s), comprising at least the obligatory mutations of step (e); then (g) selecting from the screen selected in step (f) of the said mutation screen selection process the most suitable mutation screen for preparing oligonucleotide probes suitable for use in differentiating all the alleles; (h) appropriately hybridizing an allele X to be identified with the oligonucleotide probes selected from the mutation screen(s) obtained in steps (a) to (g); and (i) identifying the allele X by detection of the said hybrid(s) which may have been formed in step (h).

Derwent World Patents Index

© 2007 Derwent Information Ltd. All rights reserved.

Dialog® File Number 351 Accession Number 6396590